

Group 2

- **SEQ 1 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 164,311-174,022) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1.506e+04 bits (7830), Expect = 0.0
 Identities = 7849/7856 (99%), Gaps = 1/7856 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query	699	AGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAATTATCCATAA	758
Sbjct	9712	AGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAATTATCCATAA	9653
Query	759	ATTTATATAATTTTATGAATAATTTATCATTTATTTGGGTAAATTCATAAATATGAAAG	818
Sbjct	9652	ATTTATATAATTTTATGAATAATTTATCATTTATTTGGGTAAATTCATAAATATGAAAG	9593
Query	819	TTTCTTTTATGGGTCAAAATGTATAATTTATTCGGATTCTGGATTTACCCAAGGGTCCG	878
Sbjct	9592	TTTCTTTTATGGGTCAAAATGTATAATTTATTCGGATTCTGGATTTACCCAAGGGTCCG	9533
Query	879	GATTTACCCAAGGATTCCAGATTTAGGATTCATGGTTTAGAGTTTAGGAGTTTATGTTTA	938
Sbjct	9532	GATTTACCCAAGGATTCCAGATTTAGGATTCATGGTTTAGAGTTTAGGAGTTTATGTTTA	9473
Query	939	GTGTTTTGTTGATGATTTTAAATATTTAAGATAAGAAGTTTATGCGAGAGAATTTGGTCA	998
Sbjct	9472	GTGTTTTGTTGATGATTTTAAATATTTAAGATAAGAAGTTTATGCGAGAGAATTTGGTCA	9413
Query	999	AACTCAGGTTGAGTCTTAACCTTCTTAAGACATAAAAATCACTAGATACTTGACATGGAGG	1058
Sbjct	9412	AACTCAGGTTGAGTCTTAACCTTCTTAAGACATAAAAATCACTAGATACTTGACATGGAGG	9353
Query	1059	CACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAAACCTTAA	1118
Sbjct	9352	CACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAAACCTTAA	9293
Query	1119	GGTTCACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTACAGTTGATATCTTTTAAAAAAGTAAACA	1178
Sbjct	9292	GGTTCACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTACAGTTGATATCTTTTAAAAAAGTAAACA	9233
Query	1179	AAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTTAAAATAAAAATATTAAAAAATAAAAATAATAA	1238
Sbjct	9232	AAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTTAAAATAAAAATATTAAAAAATAAAAATAATAA	9173
Query	1239	TATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAGATTTTAATTTTCGTCAACAAAACACTAAACT	1298
Sbjct	9172	TATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAGATTTTAATTTTCGTCAACAAAACACTAAACT	9113
Query	1299	CTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGATAAATACTAAACCCTAAATTAAAAACATTAAAC	1358
Sbjct	9112	CTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGATAAATACTAAACCCTAAATTAAAAACATTAAAC	9053

Group 2

Query	1359	CATAATAGTATTTTTAAGATTTAATGTTTTAGTGTGTTAGTGTGTTTTGATTTAGAATTTAG	1418
Sbjct	9052	CATAATAGTATTTTTAAGATTTAATGTTTTAGTGTGTTAGTGTGTTTTGATTTAGAATTTAG	8993
Query	1419	GATTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGG	1478
Sbjct	8992	GATTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGG	8933
Query	1479	TTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATT	1538
Sbjct	8932	TTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTCTATGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATT	8873
Query	1539	TAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTT	1598
Sbjct	8872	TAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTT	8813
Query	1599	TAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGTGTTTTTGA	1658
Sbjct	8812	TAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGTGTTTTTGA	8753
Query	1659	CGATATTAAAAATAGTTTTCAAAAATTCATTTTTTGTAACGGCTATTATTTTTTTTTTAT	1718
Sbjct	8752	CGATATTAAAAATAGTTTTCAAAAATTCATTTTTTGTAACGGCTATTATTTTTTTTTTAT	8693
Query	1719	ATTTTATTTATTTTAAAAACATAATAACTTGACAATATTTTCTTTCTTTTTAAAAAA	1778
Sbjct	8692	ATTTTATTTATTTTAAAAACATAATAACTTGACAATATTTTCTTTCTTTTTAAAAAA	8633
Query	1779	AATATTAATTATGAAATACTTGATTCCATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAG	1838
Sbjct	8632	AATATTAATTATGAAATACTTGATTCCATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAG	8573
Query	1839	GGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTTGGGGTGAAATAGCACTATAGCGGATATCTTT	1898
Sbjct	8572	GGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTTGGGGTGAAATAGCACTATAGCGGATATCTTT	8513
Query	1899	TTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATGATTGGAA	1958
Sbjct	8512	TTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAGTCAAGAACTTGGGATGATTGGAA	8453
Query	1959	ATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATGATCCTTG	2018
Sbjct	8452	ATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATGATCCTTG	8393
Query	2019	AAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCATTTTATTAAC	2078
Sbjct	8392	AAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCATTTTATTAAC	8333
Query	2079	AAATTTGTCATTTTCATTAACAATTTTTGTCATTTTATAAACATGAAAATTATAACGAATG	2138
Sbjct	8332	AAATTTGTCATTTTCATTAACAATTTTTGTCATTTTATAAACATGAAAATTATAACGAATG	8273

Group 2

Query	2139	CACTTTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCATTTTATTTTTGGGAAAAAATGTAGCATTTTCG	2198
Sbjct	8272	CACTTTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCATTTTATTTTTGGGAAAAAATGTAGCATTTTCG	8213
Query	2199	TGAGTGTTTCTATTTTTGGCAAAAACAAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAAAAAAAAA	2258
Sbjct	8212	TGAGTGTTTCTATTTTTGGCAAAAACAAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAAAAAAAAA	8153
Query	2259	TGTAAGATTACGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACCTATATTAAAATTAAAT	2318
Sbjct	8152	TGTAAGATTACGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACCTATATTAAAATTAAAT	8093
Query	2319	GTAGACAAATTTGTTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAGGTTTCCA	2378
Sbjct	8092	GTAGACAAATTTGTTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAGGTTTCCA	8033
Query	2379	AGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATTTTATGAA	2438
Sbjct	8032	AGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATTTTATGAA	7973
Query	2439	TTATCATTTATTTGGGTAGATTTTCATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCAAATGTA	2498
Sbjct	7972	TTATCATTTATTTGGGTAGATTTTCATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCAAATGTA	7913
Query	2499	TAATTTATTGGGTAACCTTTCATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTAATTCGTA	2558
Sbjct	7912	TAATTTATTGGGTAACCTTTCATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTAATTCGTA	7853
Query	2559	TAGATTTATGTTGACTTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAAAGTAGTTGCTCAT	2618
Sbjct	7852	TAGATTTATGTTGACTTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAAAGTAGTTGCTCAT	7793
Query	2619	ATATGATTTTTTAAATATTAAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGAATGTTTATGGA	2678
Sbjct	7792	ATATGATTTTTTAAATATTAAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGAATGTTTATGGG	7733
Query	2679	ATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAATTATTTTTTATAGGCAAAGT	2738
Sbjct	7732	ATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAATTATTTTTTATAGGCAAAGT	7673
Query	2739	GGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAACCTTGCCAAGTTTAATAGGCAAAAAGGTT	2798
Sbjct	7672	GGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAACCTTGCCAAGTTTAATAGGCAAAAAGGTT	7613
Query	2799	AAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATATAAACTTG	2858
Sbjct	7612	AAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATATAAACTTG	7553
Query	2859	AGGTGGCCTATTTTTCTAATTCAAACCTTAAAAGTTGCCCTTTCCCCTAATTGACCCATAA	2918
Sbjct	7552	AGGTGGCCTATTTTTCTAATTCAAACCTTAAAAGTTGCCCTTTCCCCTAATTGACCCATAA	7493

Group 2

Query	2919	AAGAATGAAAGACATTTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATTTTGTAGG	2978
Sbjct	7492	AAGAATGAAAGACATTTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATTTTGTAGG	7433
Query	2979	TGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTATTGCGCC	3038
Sbjct	7432	TGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTATTGCGCC	7373
Query	3039	GTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTATCACTAACAACATATT	3098
Sbjct	7372	GTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTATCACTAACAACATATT	7313
Query	3099	CATAGATTTTGTGTTTATCACTTGTTCTGTGTTCTGATCATATACTTGACTCAGTTTCTGT	3158
Sbjct	7312	CATAGATTTTGTGTTTATCACTTGTTCTGTGTTCTGATCATATACTTGACTCAGTTTCTGT	7253
Query	3159	GATTTTCATCAAGTTTTTGGAGAACAGAAGAAGCAAAAAAGAAAACGAGCAGAGCTGCTCTT	3218
Sbjct	7252	GATTTTCATCAAGTTTTTGGAGAACAGAAGAAGCAAAAAAGAAAACGAGCAGAGCTGCTCTT	7193
Query	3219	ACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAATAGATTT	3278
Sbjct	7192	ACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAATAGATTT	7133
Query	3279	AATCAACCAATTTAATATATTATTTTATATTTAGTTCATTTTTTTTTTGACATCTTTTATA	3338
Sbjct	7132	AATCAACCAATTTAATATATTATTTTATATTTAGTTCATTTTTTTTTTGACATCTTTTATA	7073
Query	3339	TTTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAATTTATAAAAT	3398
Sbjct	7072	TTTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAATTTATAAAAT	7013
Query	3399	AGCATAATTTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCTAAATAACAATAATTATAATA	3458
Sbjct	7012	AGCATAATTTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCTAAATAACAATAATTATAATA	6953
Query	3459	TTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATATTTAAAA	3518
Sbjct	6952	TTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATATTTAAAA	6893
Query	3519	CGTTGGGTAGGATTTTGTTAGATTTTTTTTCAACAAATTTTGTTATAGCTAAAATAAAATT	3578
Sbjct	6892	CGTTGGGTAGGATTTTGTTAGATTTTTTTTCAACAAATTTTGTTATAGCTAAAATAAAATT	6833
Query	3579	CAAATGTATTGTTAAATTTGATTTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTTAATATAAATAA	3638
Sbjct	6832	CAAATGTATTGTTAAATTTGATTTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTTAATATAAATAA	6773
Query	3639	ACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAACTAGGGGTGGGC	3698
Sbjct	6772	ACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAACTAGGGGTGGGC	6713

Group 2

Query	3699	GTTTCGGGTACCTATTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTCGGATTTTCGGATTTTTGGGGTCA	3758
Sbjct	6712	GTTTCGGGTACCTATTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTCGGATTTTCGGATTTTTGGGGTCA	6653
Query	3759	AAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGGATCCTTG	3818
Sbjct	6652	AAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGGATCCTTG	6593
Query	3819	CGGATTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAATTTTAAAATTTTCAT	3878
Sbjct	6592	CGGATTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAATTTTAAAATTTTCAT	6533
Query	3879	TATATATTTTAAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAAATTTCAA	3938
Sbjct	6532	TATATATTTTAAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAAATTTCAA	6473
Query	3939	TAATATGTGTCTGAAGTACCAAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTTGGATATTTGGAT	3998
Sbjct	6472	TAATATGTGTCTGAAGTACCAAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTTGGATATTTGGAT	6413
Query	3999	AGAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTGTTTGAGTATGCTTTAACTATTTATAC	4058
Sbjct	6412	AGAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTGTTTGAGTATGCTTTAACTATTTATAC	6353
Query	4059	ATGTACTTTTTAATGTTTTTATATATTTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAGTATTATA	4118
Sbjct	6352	ATGTACTTTTTAATGTTTTTATATATTTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAGTATTATA	6293
Query	4119	TATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTCAATCTAAAAATAGTTAAATATATATGTATA	4178
Sbjct	6292	TATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTCAATCTAAAAATAGTTAAATATATATGTATA	6233
Query	4179	TTAATCTATTTTCGGATACATTCGGATATCCAAAATATTTTGGTTCGGATCGGGTTCGGTT	4238
Sbjct	6232	TTAATCTATTTTCGGATACATTCGGATATCCAAAATATTTTGGTTCGGATCGGGTTCGGTT	6173
Query	4239	TTGGTTCTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAATTAATTTTCGGTTCGG	4298
Sbjct	6172	TTGGTTCTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAATTAATTTTCGGTTCGG	6113
Query	4299	ATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTTCAGTTTTTTTGTC	4358
Sbjct	6112	ATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTTCAGTTTTTTTGTC	6053
Query	4359	CAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAGATTTTGG	4418
Sbjct	6052	CAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAGATTTTGG	5993
Query	4419	TTAGGTCTTTCTAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTTCTCATTGCAGTGTGGTATGTC	4478
Sbjct	5992	TTAGGTCTTTCTAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTTCTCATTGCAGTGTGGTATGTC	5933

Group 2

Query	4479	CAACTCATTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAATGTTTAGTTACTTAAG	4538
Sbjct	5932	CAACTCATTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAATGTTTAGTTACTTAAG	5873
Query	4539	AGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAAGTAAATAA-CTTT	4597
Sbjct	5872	AGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAAGTAAATAAACTTT	5813
Query	4598	GTTTATATTTTAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAAGTGGTTCAATAAAA	4657
Sbjct	5812	GTTTATATTTTAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAAGTGGTTCAATAAAA	5753
Query	4658	ATGTCATTAAGTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGATAAATTTT	4717
Sbjct	5752	ATGTCATTAAGTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGATAAATTTT	5693
Query	4718	TATGATCGTTTAAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTGGTCGTCT	4777
Sbjct	5692	TATGATCGTTTAAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTGGTCGTCT	5633
Query	4778	TGATTTTTAAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGGAAGTCTA	4837
Sbjct	5632	TGATTTTTAAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGGAAGTCTA	5573
Query	4838	CTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAATCATGTGG	4897
Sbjct	5572	CTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAATCATGTGG	5513
Query	4898	CCCTGTGGGTTTAAACAAGGAAGTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAACCGGAAAT	4957
Sbjct	5512	CCCTGTGGGTTTAAACAAGGAAGTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAACCGGAAAT	5453
Query	4958	TGTATAATTCAAAGTGAACCGGTTCTTGTAACAAATGGAACCGGTTTGTACTTTATCT	5017
Sbjct	5452	TGTATAATTCAAAGTGAACCGGTTCTTGTAACAAATGGAACCGGTTTGTACTTTATCT	5393
Query	5018	CTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAATTTAGGC	5077
Sbjct	5392	CTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAATTTAGGC	5333
Query	5078	GAAACAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTTCTTCTCTGCTG	5137
Sbjct	5332	GAAACAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTTCTTCTCTGCTG	5273
Query	5138	AGTCTGCGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCG	5197
Sbjct	5272	AGTCTGCGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCG	5213
Query	5198	GAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATG	5257
Sbjct	5212	GAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATG	5153

Group 2

Query	5258	AAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTT	5317
Sbjct	5152	AAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTT	5093
Query	5318	TACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGG	5377
Sbjct	5092	TACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGG	5033
Query	5378	ATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACA	5437
Sbjct	5032	ATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACA	4973
Query	5438	GCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCTTTGTCTA	5497
Sbjct	4972	GCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCTTTGTCTA	4913
Query	5498	CATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGC	5557
Sbjct	4912	CATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGC	4853
Query	5558	TCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGT	5617
Sbjct	4852	TCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGT	4793
Query	5618	TTGAAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTTCATGAACGGTCTTTGCC	5677
Sbjct	4792	TTGAAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTTCATGAACGGTCTTTGCC	4733
Query	5678	GCGAGGGTAGAATTGTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCC	5737
Sbjct	4732	GCGAGGGTAGAATTGTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCC	4673
Query	5738	AGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTG	5797
Sbjct	4672	AGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTG	4613
Query	5798	TGTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTG	5857
Sbjct	4612	TGTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTG	4553
Query	5858	TAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAA	5917
Sbjct	4552	TAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAA	4493
Query	5918	ATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTA	5977
Sbjct	4492	ATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTA	4433
Query	5978	TGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAA	6037
Sbjct	4432	TGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAA	4373

Group 2

Query	6038	TGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTTG	6097
Sbjct	4372	TGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTTG	4313
Query	6098	TCAAGGAAGGCAAGTTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTA	6157
Sbjct	4312	TCAAGGAAGGCAAGTTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTA	4253
Query	6158	TAATCCCTAATAACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTC	6217
Sbjct	4252	TAATCCCTAATAACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTC	4193
Query	6218	TTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAA	6277
Sbjct	4192	TTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAA	4133
Query	6278	TCACCTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGG	6337
Sbjct	4132	TCACCTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGG	4073
Query	6338	AACTTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTC	6397
Sbjct	4072	AACTTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTC	4013
Query	6398	TTATTACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGA	6457
Sbjct	4012	TTATTACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGA	3953
Query	6458	TGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCT	6517
Sbjct	3952	TGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCT	3893
Query	6518	GCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGA	6577
Sbjct	3892	GCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGA	3833
Query	6578	AGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATA	6637
Sbjct	3832	AGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATA	3773
Query	6638	TATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGG	6697
Sbjct	3772	TATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGG	3713
Query	6698	AGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGAT	6757
Sbjct	3712	AGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGAT	3653
Query	6758	TATGCAAGCAGAGCCGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGA	6817
Sbjct	3652	TATGCAAGCAGAGCCGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGA	3593

Group 2

Query	6818	GCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAA	6877
Sbjct	3592	GCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAA	3533
Query	6878	GGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACG	6937
Sbjct	3532	GGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACG	3473
Query	6938	CAATTACTTACATCACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTC	6997
Sbjct	3472	CAATTACTTACATCACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTC	3413
Query	6998	TAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCA	7057
Sbjct	3412	TAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCA	3353
Query	7058	ATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACATAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGA	7117
Sbjct	3352	ATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACATAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGA	3293
Query	7118	AACTGCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTTCAGTCTATGTATTTTTTATATAAACA	7177
Sbjct	3292	AACTGCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTTCAGTCTATGTATTTTTTATATAAACA	3233
Query	7178	AGAATGTATACATTCTTTTGTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGGAATTAAC	7237
Sbjct	3232	AGAATGTATACATTCTTTTGTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGGAATTAAC	3173
Query	7238	CATTGGTTTGGTTTTGCATTGTAGGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTT	7297
Sbjct	3172	CATTGGTTTGGTTTTGCATTGTAGGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTT	3113
Query	7298	CTTCTGTTTGCAGCAGAGCTTCAATGTCAATTTGTTTCTGCTGCTGCATGTATACCCT	7357
Sbjct	3112	CTTCTGTTTGCAGCAGAGCTTCAATGTCAATTTGTTTCTGCTGCTGCATGTATACCCT	3053
Query	7358	ACTAATGTTTGATCAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTA	7417
Sbjct	3052	ACTAATGTTTGATCAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTA	2993
Query	7418	AGTTATTTTGCTGCTATTCTAATGACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGCTTAATAA	7477
Sbjct	2992	AGTTATTTTGCTGCTATTCTAATGACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGCTTAATAA	2933
Query	7478	ATTTGACCATTTCCAATTAAATTCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGGTCTGAAC	7537
Sbjct	2932	ATTTGACCATTTCCAATTAAATTCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGGTCTGAAC	2873
Query	7538	TAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTTCAGGTGTTAAAGATGTTTAGGTGTCTGCCCGT	7597
Sbjct	2872	TAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTTCAGGTGTTAAAGATGTTTAGGTGTCTGCCCGT	2813

Group 2

Query	7598	TCTGTAGCTGTCACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCTTCATGAGAGCTGATAGCTGTGA	7657
Sbjct	2812	TCTGTAGCTGTCACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCTTCATGAGAGCTGATAGCTGTGA	2753
Query	7658	TGCCATCTTCCTCCTCTTCTTCATATTGGCTCTGTCTGCCTTGTCTGCTCCCATGTGGG	7717
Sbjct	2752	TGCCATCTTCCTCCTCTTCTTCATATTGGCTCTGTCTGCCTTGTCTGCTCCCATGTGGG	2693
Query	7718	TTCAGGAGGAGATCATGTTCTTTTAATCTTGGTGGAAATGTTGTTGTCGCTTATGCTTCT	7777
Sbjct	2692	TTCAGGAGGAGATCATGTTCTTTTAATCTTGGTGGAAATGTTGTTGTCGCTTATGCTTCT	2633
Query	7778	CTGGTTTCGCCTCTTGACTTGCTTAGCTTCATTCTTTATCTCCAAATTGCTATGAAATCAA	7837
Sbjct	2632	CTGGTTTCGCCTCTTGACTTGCTTAGCTTCATTCTTTATCTCCAAATTGCTATGAAATCAA	2573
Query	7838	TTTACCATAAGTAGAATAAACTTGCAGATTCACTTCTATTATTGCTTAAGCTTTTGTTAAT	7897
Sbjct	2572	TTTACCATAAGTAGAATAAACTTGCAGATTCACTTCTATTATTGCTTAAGCTTTTGTTAAT	2513
Query	7898	CAACAAAGAAACCAGAGACGAGAAATACAACTCTATAAGCTTCTCTTTTTCTTTCTTG	7957
Sbjct	2512	CAACAAAGAAACCAGAGACGAGAAATACAACTCTATAAGCTTCTCTTTTTCTTTCTTG	2453
Query	7958	ATAGTAAAACCGGTTAGAGAGTAGAGATTGATCATATGAACTAAAAATCGATACTAAAAC	8017
Sbjct	2452	ATAGTAAAACCGGTTAGAGAGTAGAGATTGATCATATGAACTAAAAATCGATACTAAAAC	2393
Query	8018	GGTTTGGCTCCGACTTATAAACCGGAACCCACCGTTTTGCATCTCTCTCTCAAACATCA	8077
Sbjct	2392	GGTTTGGCTCCGACTTATAAACCGGAACCCACCGTTTTGCATCTCTCTCTCAAACATCA	2333
Query	8078	CACAATGTCCAAGATGAAGAAGTATTTGTGTTGTCATCTCTCTGGGTGAGGAGATGCAAA	8137
Sbjct	2332	CACAATGTCCAAGATGAAGAAGTATTTGTGTTGTCATCTCTCTGGGTGAGGAGATGCAAA	2273
Query	8138	TGTTATATTCTAATTGTTTTAGTGCTTGGTCTAACTTTTTTAAGAGATTACTCCAGTG	8197
Sbjct	2272	TGTTATATTCTAATTGTTTTAGTGCTTGGTCTAACTTTTTTAAGAGATTACTCCAGTG	2213
Query	8198	GTTGGATCAAAGAAAGAGTCAACATTGCATTGTGTAAGGTGACGAAAAGTAAAGT	8257
Sbjct	2212	GTTGGATCAAAGAAAGAGTCAACATTGCATTGTGTAAGGTGACGAAAAGTAAAGT	2153
Query	8258	AAGTGAGAACAATACTTCAATGCTTTTCTTGTGACAACCTGTGTAATCATCGCATTTGAA	8317
Sbjct	2152	AAGTGAGAACAATACTTCAATGCTTTTCTTGTGACAACCTGTGTAATCATCGCATTTGAA	2093
Query	8318	TATATATGTATATGATGCTTATGATGAAGCTATGAGAATAGGCAAATAGGGTCTGTGTTA	8377
Sbjct	2092	TATATATGTATATGATGCTTATGATGAAGCTATGAGAATAGGCAAATAGGGTCTGTGTTA	2033

Group 2

```

Query  8378  TTTCCCTGCGATTCTAGATTCTGATTTGTTTTTCCTTCTTAATATTTAGATTAGGTGGTC  8437
          |||||
Sbjct   2032  TTTCCCTGCGATTCTAGATTCTGATTTGTTTTTCCTTCTTAATATTTAGATTAGGTGGTC  1973

Query  8438  TTGCTTATCCTGTTTTAGTATTAGAGTCGGAGTTTTGGGGATGAATCATCCCGGATGATA  8497
          |||||
Sbjct   1972  TTGCTTATCCTGTTTTAGTATTAGAGTCGGAGTTTTGGGGATGAATCATCCCGGATGATA  1913

Query  8498  TATACAATTGTGTATTTTATGAATTTTCTAGTTTTAGTGGATAATGAACACGTTAAC  8553
          |||||
Sbjct   1912  TATACAATTGTGTATTTTATGAATTTTCTAGTTTTAGTGGATAATGAACACGTTAAC  1857

```

Score = 285 bits (148), Expect = 3e-72
 Identities = 192/209 (91%), Gaps = 5/209 (2%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query  642  ATATTTAAGATAAATGTAGACAAATTTGTTCTTCTACCATTTTGACAAAAATGAAAGA  701
          |||||
Sbjct   8107  ATATTTAAGATAAATGTAGACAAATTTGTT-TTCCTGCCATTTTGACAAAAATGAAAGA  8049

Query  702  TCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAATTATCCATAAATT  761
          |||||
Sbjct   8048  TCTATGAAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATT  7989

Query  762  TATATAATTTTATGAATAATTTATCATTATTTGGGTAAATTTTATAAATATGAAAGTTT  821
          ||
Sbjct   7988  TACATAATTTTATGAA----TTATCATTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTT  7933

Query  822  CTTTTATGGGTCAAATGTATAATTTATT  850
          |||||
Sbjct   7932  CTTTTATGAGTCAAATGTATAATTTATT  7904

```

Score = 187 bits (97), Expect = 1e-42
 Identities = 115/124 (92%), Gaps = 0/124 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query  531  TTCAGATTCTGGATTTACCCAATGGTTCTGGATTTACCCAAGGGTTCCGGATTTAGGATT  590
          |||
Sbjct   9562  TTCGGATTCTGGATTTACCCAAGGGTTCCGGATTTACCCAAGGATTCCAGATTTAGGATT  9503

Query  591  CAAGGTTTAGAGTTTAGGATTTTAGGTTTAGTGTTTTGTTGATGATTTTAAATATTTAAG  650
          ||
Sbjct   9502  CATGGTTTAGAGTTTAGGAGTTTATGTTTAGTGTTTTGTTGATGATTTTAAATATTTAAG  9443

Query  651  ATAA  654
          |||
Sbjct   9442  ATAA  9439

```

Group 2

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1099 ACCCCTAGAGTAAACCTTAAGGTTACACC-AACCAATAGAAATCACTCATTTCACAGTTGA 1157
          |||||
Sbjct 8569 ACCCCTAGAGTGAACATTTAGGTTACCCCAACCAATAGGAATCAAGTATTTTCATAATTAA 8628

Query 1158 TATCTTTTA-AAAAAGTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTTAAAATAAAAA 1216
          |||||
Sbjct 8629 TATTTTTTTTTTAAAAGAAAAGAAAATATTGTCAAGTTATATTATGTTTTTAAAATAAATA 8688

Query 1217 TATTAAAAAATAAAAAATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAGATTTTAAAT 1276
          |||||
Sbjct 8689 AAATATAAAAAAATAATAGCCGTTACAAAAAATGAATTTTTTGAAACTATTTTAAAT 8748

Query 1277 TTCGTCAACAAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCT 1321
          |||||
Sbjct 8749 ATCGTCAA-AAAACACTAAACCTTAAACCCTAAATCCTAAACCCT 8792
  
```

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1619 AGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGTTTT-TTGACGATATTAAAAATAGTTTT 1677
          |||||
Sbjct 9090 AGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGTTTTGTTGACGAAATTAAAATCTTTTTTA 9149

Query 1678 CAAAAATTCATTTTTTTGTAACGGCTATTATTTTTTTTTTATATTTTATTTATTTTAAAAA 1737
          |||||
Sbjct 9150 AAAAATCTTTTTTTTTTGCATATATTATTATTTTTTATTTTAAATATTTTATTTTAAAAA 9209

Query 1738 CATAATATAACTTGACAATATTTTCTTTTCTTTTTTAAAAAATATTAATTATGAAATAC 1797
          |||||
Sbjct 9210 TGTAATATAACTCGACAATATTTTGTGTTACTTTTT-TAAAAGATATCAACTGTGAAATGA 9268

Query 1798 TTGATTCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAGGGGT 1842
          |||||
Sbjct 9269 GTGATTTCTATTGGTT-GGTGAACCTTAAGGTTTACTCTAGGGGT 9312
  
```

Score = 69.9 bits (36), Expect = 2e-07
 Identities = 54/63 (85%), Gaps = 0/63 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 689 AAAAAATGAAAGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAA 748
          |||||
Sbjct 8158 AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAATTTATTAAATTTACCCAATATATTTAAAA 8099

Query 749 TTA 751
          |||
Sbjct 8098 TTA 8096
  
```

Group 2

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGGATAAATACTAAAC 1337
        ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 8930 AAACCCTAAACCCTAAATTCTAAACCCTAAACCCTTGGATAAATCATAAAC 8980
```

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1431 GTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTT 1481
        ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 9074 GTTTAGTATTTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGTTT 9124
```

Score = 62.2 bits (32), Expect = 4e-05
Identities = 52/62 (83%), Gaps = 0/62 (0%)
Strand=Plus/Minus

```
Query 565 TACCCAAGGGTTCCGGATTTAGGATTCAAGGTTTAGAGTTTAGGATTTAGGTTTAGTGT 624
        ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 8898 TACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGT 8839
```

```
Query 625 TT 626
        ||
Sbjct 8838 TT 8837
```

Score = 50.7 bits (26), Expect = 0.12
Identities = 30/32 (93%), Gaps = 0/32 (0%)
Strand=Plus/Minus

```
Query 497 AGGGTTCCGGATTTATCCAAGGGTTCCAGATT 528
        ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 9541 AGGGTTCCGGATTTACCCAAGGATTCCAGATT 9510
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 50/63 (79%), Gaps = 0/63 (0%)
Strand=Plus/Minus

```
Query 545 TTACCCAATGGTTCTGGATTTACCCAAGGGTTCCGGATTTAGGATTCAAGGTTTAGAGTT 604
        ||| ||||| ||||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 8825 TTATCCAAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTT 8766
```

```
Query 605 TAG 607
        |||
Sbjct 8765 TAG 8763
```

Group 2

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1292 CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCT 1321
          ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 8856 CTAAACCCTAAACCCTAAATCCTAAACCCT 8885
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 44/54 (81%), Gaps = 0/54 (0%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1500 AGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTT 1553
          ||||| ||| | || ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 9071 AGGGTTTAGTATTTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGT 9124
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1526 AGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAG 1555
          ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 9090 AGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAG 9119
```

Score = 44.9 bits (23), Expect = 6.5
Identities = 33/38 (86%), Gaps = 0/38 (0%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGG 1324
          |||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 8858 AAACCCTAAACCCTAAATCCTAAACCCTAAACCCTTGG 8895
```

- **SEQ 2 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 164,311-174,022) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 3930 bits (2044), Expect = 0.0
Identities = 2044/2044 (100%), Gaps = 0/2044 (0%)
Strand=Plus/Minus

```
Query 1 ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTTCTCCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA 60
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5318 ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTTCTCCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA 5259

Query 61 TTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA 120
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5258 TTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA 5199
```

Group 2

Query	121	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	180
Sbjct	5198	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	5139
Query	181	GAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT	240
Sbjct	5138	GAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT	5079
Query	241	GATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTTCT	300
Sbjct	5078	GATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTTCT	5019
Query	301	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	360
Sbjct	5018	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	4959
Query	361	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCCTTTGCTTTGTCTACATTTGGTAAGATC	420
Sbjct	4958	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCCTTTGCTTTGTCTACATTTGGTAAGATC	4899
Query	421	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	480
Sbjct	4898	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	4839
Query	481	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAAACGACATGT	540
Sbjct	4838	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAAACGACATGT	4779
Query	541	AGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTTCATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	600
Sbjct	4778	AGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTTCATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	4719
Query	601	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	660
Sbjct	4718	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	4659
Query	661	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACTGAAT	720
Sbjct	4658	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACTGAAT	4599
Query	721	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	780
Sbjct	4598	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	4539
Query	781	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	840
Sbjct	4538	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	4479
Query	841	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTTT	900
Sbjct	4478	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTTT	4419

Group 2

Query	901	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	960
Sbjct	4418	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	4359
Query	961	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTTGTCAAGGAAGGCAAG	1020
Sbjct	4358	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTTGTCAAGGAAGGCAAG	4299
Query	1021	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1080
Sbjct	4298	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	4239
Query	1081	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1140
Sbjct	4238	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	4179
Query	1141	CACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1200
Sbjct	4178	CACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	4119
Query	1201	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTCTCCATGAG	1260
Sbjct	4118	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTCTCCATGAG	4059
Query	1261	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTC	1320
Sbjct	4058	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTC	3999
Query	1321	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1380
Sbjct	3998	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	3939
Query	1381	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	1440
Sbjct	3938	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	3879
Query	1441	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1500
Sbjct	3878	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	3819
Query	1501	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	1560
Sbjct	3818	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	3759
Query	1561	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	1620
Sbjct	3758	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	3699
Query	1621	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	1680
Sbjct	3698	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	3639

Group 2

Query	1681	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	1740
Sbjct	3638	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	3579
Query	1741	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	1800
Sbjct	3578	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	3519
Query	1801	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	1860
Sbjct	3518	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	3459
Query	1861	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	1920
Sbjct	3458	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	3399
Query	1921	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	1980
Sbjct	3398	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	3339
Query	1981	TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT	2040
Sbjct	3338	TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT	3279
Query	2041	ATGG 2044	
Sbjct	3278	ATGG 3275	

Score = 43.0 bits (22), Expect = 5.9
 Identities = 22/22 (100%), Gaps = 0/22 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query	2043	GGATCTATCATTTGGGGGATGA	2064
Sbjct	3149	GGATCTATCATTTGGGGGATGA	3128

- **SEQ 1 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1.263e+04 bits (6568), Expect = 0.0
 Identities = 6585/6591 (99%), Gaps = 1/6591 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query	1052	ATGGAGGCACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA	1111
Sbjct	6591	ATGGAGGCACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA	6532
Query	1112	ACCTTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTCACAGTTGATATCTTTTAAAAAA	1171
Sbjct	6531	ACCTTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTCACAGTTGATATCTTTTAAAAAA	6472

Group 2

Query	1172	GTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTTAAAATAAAAATATTAAAAATAAAA	1231
Sbjct	6471	GTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTTAAAATAAAAATATTAAAAATAAAA	6412
Query	1232	ATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAGATTTTAATTCGTCAACAAAACA	1291
Sbjct	6411	ATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAGATTTTAATTCGTCAACAAAACA	6352
Query	1292	CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGGATAAATACTAAACCCTAAATTAAAAAC	1351
Sbjct	6351	CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGGATAAATACTAAACCCTAAATTAAAAAC	6292
Query	1352	ATTAAACCATAATAGTATTTTTTAAGATTTAATGTTTTAGTGTTTAGTGTTTTTGATTTAG	1411
Sbjct	6291	ATTAAACCATAATAGTATTTTTTAAGATTTAATGTTTTAGTGTTTAGTGTTTTTGATTTAG	6232
Query	1412	AATTTAGGATTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGG	1471
Sbjct	6231	AATTTAGGATTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGG	6172
Query	1472	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	1531
Sbjct	6171	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTCTATGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	6112
Query	1532	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCC	1591
Sbjct	6111	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCC	6052
Query	1592	AAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGT	1651
Sbjct	6051	AAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGT	5992
Query	1652	TTTTTGACGATATTAAAAATAGTTTTCAAAAATTCATTTTTTGTAACGGCTATTATTTTT	1711
Sbjct	5991	TTTTTGACGATATTAAAAATAGTTTTCAAAAATTCATTTTTTGTAACGGCTATTATTTTT	5932
Query	1712	TTTTTATATTTTATTTATTTTAAAAACATAATAACTTGACAATATTTTCTTTTCTTTT	1771
Sbjct	5931	TTTTTATATTTTATTTATTTTAAAAACATAATAACTTGACAATATTTTCTTTTCTTTT	5872
Query	1772	TAAAAAAAATATTAATTATGAAATACTTGATTCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTC	1831
Sbjct	5871	TAAAAAAAATATTAATTATGAAATACTTGATTCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTC	5812
Query	1832	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGA	1891
Sbjct	5811	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGA	5752
Query	1892	TATCTTTTTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATG	1951
Sbjct	5751	TATCTTTTTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAGTCAAGAACTTGGGATG	5692

Group 2

Query	1952	ATTGGAAATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATG	2011
Sbjct	5691	ATTGGAAATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATG	5632
Query	2012	ATCCTTGAAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCAATT	2071
Sbjct	5631	ATCCTTGAAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCAATT	5572
Query	2072	TATTAACAAATTTGTCATTTTATTAACAATTTTGTCAATTTTATAAACATGAAAATTATA	2131
Sbjct	5571	TATTAACAAATTTGTCATTTTATTAACAATTTTGTCAATTTTATAAACATGAAAATTATA	5512
Query	2132	ACGAATGCACTTTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCAATTTTATTTTGGGAAAAAAATGTAG	2191
Sbjct	5511	ACGAATGCACTTTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCAATTTTATTTTGGGAAAAAAATGTAG	5452
Query	2192	CATTTTCGTGAGTGTTTCTATTTTGGCAAAAACAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAA	2251
Sbjct	5451	CATTTTCGTGAGTGTTTCTATTTTGGCAAAAACAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAA	5392
Query	2252	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACATATATAA	2311
Sbjct	5391	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACATATATAA	5332
Query	2312	ATTAAATGTAGACAAATTTGTTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAG	2371
Sbjct	5331	ATTAAATGTAGACAAATTTGTTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAG	5272
Query	2372	GTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	2431
Sbjct	5271	GTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	5212
Query	2432	TTATGAATTATCATTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	2491
Sbjct	5211	TTATGAATTATCATTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	5152
Query	2492	AAATGTATAATTTATTGGGTAACTTTATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTA	2551
Sbjct	5151	AAATGTATAATTTATTGGGTAACTTTATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTA	5092
Query	2552	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAGTAGT	2611
Sbjct	5091	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAGTAGT	5032
Query	2612	TGCTCATATATGATTTTTAAATATTAAATATGATCCAAAAGTTTAAATGAATAAAGAATGT	2671
Sbjct	5031	TGCTCATATATGATTTTTAAATATTAAATATGATCCAAAAGTTTAAATGAATAAAGAATGT	4972
Query	2672	TTATGGAATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAAATTATTTTTTATAG	2731
Sbjct	4971	TTATGGGATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAAATTATTTTTTATAG	4912

Group 2

Query	2732	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAACCTTGCCAAGTTTAATAGGCAA	2791
Sbjct	4911	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAACCTTGCCAAGTTTAATAGGCAA	4852
Query	2792	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATAT	2851
Sbjct	4851	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATAT	4792
Query	2852	AAACTTGAGGTGGCCTATTTTTCTAATTCAAACCTTAAAGTTGCCCTTTCCCTAATTGA	2911
Sbjct	4791	AAATTTGAGGTGGCCTATTTTTCTAATTCAAACCTTAAAGTTGCCCTTTCCCTAATTGA	4732
Query	2912	CCCATAAAAGAATGAAAGACATTTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATT	2971
Sbjct	4731	CCCATAAAAGAATGAAAGACATTTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATT	4672
Query	2972	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTA	3031
Sbjct	4671	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTA	4612
Query	3032	TTGCGCCGTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTATCACTAACA	3091
Sbjct	4611	TTGCGCCGTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTATCACTAACA	4552
Query	3092	ACATATTCATAGATTTTGTTTATCACTTGTTCTGTGTTTCCTGATCATATACTTGACTCAG	3151
Sbjct	4551	ACATATTCATAGATTTTGTTTATCACTTGTTCTGTGTTTCCTGATCATATACTTGACTCAG	4492
Query	3152	TTTCTGTGATTTTCATCAAGTTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAAGAAAACGAGCAGAGC	3211
Sbjct	4491	TTTCTGTGATTTTCATCAAGTTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAAGAAAACGAGCAGAGC	4432
Query	3212	TGCTCTTACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAA	3271
Sbjct	4431	TGCTCTTACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAA	4372
Query	3272	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTATTTTATATTTAGTTCATTTTTTTTTGACATC	3331
Sbjct	4371	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTATTTTATATTTAGTTCATTTTTTTTTGACATC	4312
Query	3332	TTTTATATTTAGTTTLAGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAATTT	3391
Sbjct	4311	TTTTATATTTAGTTTLAGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAATTT	4252
Query	3392	ATAAAATAGCATAATTTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCTAAATAACAATAAT	3451
Sbjct	4251	ATAAAATAGCATAATTTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCTAAATAACAATAAT	4192
Query	3452	TATAATATTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATA	3511
Sbjct	4191	TATAATATTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATA	4132

Group 2

Query	3512	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTTCAACAAATTTTGTTATAGCTAAAA	3571
Sbjct	4131	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTTCAACAAATTTTGTTATAGCTAAAA	4072
Query	3572	TAAATTCAAATGTATTGTTAAAATTGATTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTTAATA	3631
Sbjct	4071	TAAATTCAAATGTATTGTTAAAATTGATTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTTAATA	4012
Query	3632	TAAATAAACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAAGTAGG	3691
Sbjct	4011	TAAATAAACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAAGTAGG	3952
Query	3692	GGTGGGCGTTTCGGGTACCTATTTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTTCGGATTTTCGGATTTTT	3751
Sbjct	3951	GGTGGGCGTTTCGGGTACCTATTTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTTCGGATTTTCGGATTTTT	3892
Query	3752	GGGGTCAAAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGG	3811
Sbjct	3891	GGGGTCAAAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGG	3832
Query	3812	ATCCTTGCGGATTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAATTTTAA	3871
Sbjct	3831	ATCCTTGCGGATTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAATTTTAA	3772
Query	3872	ATTTTCATTATATATTTTAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAA	3931
Sbjct	3771	ATTTTCATTATATATTTTAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAA	3712
Query	3932	ATTTCAATAATATGTGTGCGAAGTACCAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTGGATA	3991
Sbjct	3711	ATTTCAATAATATGTGTGCGAAGTACCAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTGGATA	3652
Query	3992	TTTGGATAGAAAATCAATCATATTTTATATATTTTTGGTGTTTTGAGTATGCTTTAACTA	4051
Sbjct	3651	TTTGGATAGAAAATCAATCATATTTTATATATTTTTGGTGTTTTGAGTATGCTTTAACTA	3592
Query	4052	TTTATACATGTACTTTTTAATGTTTTTATATATTTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAG	4111
Sbjct	3591	TTTATACATGTACTTTTTAATGTTTTTATATATTTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAG	3532
Query	4112	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	4171
Sbjct	3531	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	3472
Query	4172	ATGTATATTAATCTATTTTCGGATACATTTCGGATATCCAAAATATTTTGGTTCGGATCGGG	4231
Sbjct	3471	ATGTATATTAATCTATTTTCGGATACATTTCGGATATCCAAAATATTTTGGTTCGGATCGGG	3412
Query	4232	TTTCGGTTTTGGTTCTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAATTAATTTT	4291
Sbjct	3411	TTTCGGTTTTGGTTCTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAATTAATTTT	3352

Group 2

Query	4292	GGTTCGGATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTTCAGTTT	4351
Sbjct	3351	GGTTCGGATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTTCAGTTT	3292
Query	4352	TTTTGTCCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAG	4411
Sbjct	3291	TTTTGTCCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAG	3232
Query	4412	ATTTTGGTTAGGTCTTTCTAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTTCTCATTGCAGTGTG	4471
Sbjct	3231	ATTTTGGTTAGGTCTTTCTAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTTCTCATTGCAGTGTG	3172
Query	4472	GTATGTCCAACCTCATTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAATGTTTAGTT	4531
Sbjct	3171	GTATGTCCAACCTCATTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAATGTTTAGTT	3112
Query	4532	ACTTAAGAGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAAGTAAAT	4591
Sbjct	3111	ACTTAAGAGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAAGTAAAT	3052
Query	4592	-AACTTTGTTTATATTTTAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGTTC	4650
Sbjct	3051	AACTTTGTTTATATTTTAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGTTC	2992
Query	4651	AATAAAAAATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGAT	4710
Sbjct	2991	AATAAAAAATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGAT	2932
Query	4711	AAATTTTTATGATCGTTTAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTG	4770
Sbjct	2931	AAATTTTTATGATCGTTTAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTG	2872
Query	4771	GTCGTCTTGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGG	4830
Sbjct	2871	GTCGTCTTGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGG	2812
Query	4831	AACTCTACTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTGTAGTGAAT	4890
Sbjct	2811	AACTCTACTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTGTAGTGAAT	2752
Query	4891	CATGTGGCCCTGTGGGTTTAAACAAGGAACCTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAAC	4950
Sbjct	2751	CATGTGGCCCTGTGGGTTTAAACAAGGAACCTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAAC	2692
Query	4951	CGGAAATTGTATAATTCAAACCTGAACCGGTTCTTGTAACAAATGGAACCCGTTTGTAC	5010
Sbjct	2691	CGGAAATTGTATAATTCAAACCTGAACCGGTTCTTGTAACAAATGGAACCCGTTTGTAC	2632
Query	5011	TTTATCTCTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAAAA	5070
Sbjct	2631	TTTATCTCTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAAAA	2572

Group 2

Query	5071	TTTAGGCGAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTTCT	5130
Sbjct	2571	TTTAGGCGAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTTCT	2512
Query	5131	CCTGCTGAGTCTGCGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAG	5190
Sbjct	2511	CCTGCTGAGTCTGCGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAG	2452
Query	5191	GCAAGCGGAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGG	5250
Sbjct	2451	GCAAGCGGAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGG	2392
Query	5251	TTTCATGAAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCT	5310
Sbjct	2391	TTTCATGAAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCT	2332
Query	5311	CGTCCTTTACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAA	5370
Sbjct	2331	CGTCCTTTACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAA	2272
Query	5371	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGAT	5430
Sbjct	2271	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGAT	2212
Query	5431	ATATACAGCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCT	5490
Sbjct	2211	ATATACAGCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCT	2152
Query	5491	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACC	5550
Sbjct	2151	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACC	2092
Query	5551	ACCCTGCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTTCAT	5610
Sbjct	2091	ACCCTGCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTTCAT	2032
Query	5611	CAAATGTTTGAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACTTTGATGAACGGT	5670
Sbjct	2031	CAAATGTTTGAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACTTTGATGAACGGT	1972
Query	5671	CTTTGCCGCGAGGGTAGAATTGTGCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	5730
Sbjct	1971	CTTTGCCGCGAGGGTAGAATTGTGCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	1912
Query	5731	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	5790
Sbjct	1911	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	1852
Query	5791	GATACTGTGTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCC	5850
Sbjct	1851	GATACTGTGTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCC	1792

Group 2

Query	5851	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	5910
Sbjct	1791	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	1732
Query	5911	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTAC	5970
Sbjct	1731	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTAC	1672
Query	5971	AACAGTATGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	6030
Sbjct	1671	AACAGTATGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	1612
Query	6031	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAAT	6090
Sbjct	1611	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAAT	1552
Query	6091	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	6150
Sbjct	1551	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	1492
Query	6151	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAG	6210
Sbjct	1491	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAG	1432
Query	6211	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	6270
Sbjct	1431	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	1372
Query	6271	AACCTAATCACTTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	6330
Sbjct	1371	AACCTAATCACTTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	1312
Query	6331	GGAATGGAACCTTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	6390
Sbjct	1311	GGAATGGAACCTTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	1252
Query	6391	AACACTCTTATTACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	6450
Sbjct	1251	AACACTCTTATTACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	1192
Query	6451	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGAT	6510
Sbjct	1191	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGAT	1132
Query	6511	GGTCTCTGCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAG	6570
Sbjct	1131	GGTCTCTGCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAG	1072
Query	6571	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAAC	6630
Sbjct	1071	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAAC	1012

Group 2

Query	6631	TACAATATATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	6690
Sbjct	1011	TACAATATATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	952
Query	6691	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATC	6750
Sbjct	951	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATC	892
Query	6751	GATGGATTATGCAAGCAGAGCCGCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGT	6810
Sbjct	891	GATGGATTATGCAAGCAGAGCCGCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGT	832
Query	6811	AGCAAGAGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAG	6870
Sbjct	831	AGCAAGAGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAG	772
Query	6871	GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCGAAGAGGGGATAGTT	6930
Sbjct	771	GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCGAAGAGGGGATAGTT	712
Query	6931	GCTAACGCAATTACTTACATCACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAAT	6990
Sbjct	711	GCTAACGCAATTACTTACATCACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAAT	652
Query	6991	GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACC	7050
Sbjct	651	GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACC	592
Query	7051	ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATG	7110
Sbjct	591	ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATG	532
Query	7111	CTTGAGAACTGCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTCAGTCTATGTATTTTTTAT	7170
Sbjct	531	CTTGAGAACTGCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTCAGTCTATGTATTTTTTAT	472
Query	7171	ATAAACAAGAATGTATACATTCTTTTGTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGG	7230
Sbjct	471	ATAAACAAGAATGTATACATTCTTTTGTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGG	412
Query	7231	AATTAACCATTGGTTTGGTTTTGCATTGTAGGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAA	7290
Sbjct	411	AATTAACCATTGGTTTGGTTTTGCATTGTAGGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAA	352
Query	7291	AGATTTTCTTCTGTTTGCAGCAGAGCTTCAATGTCATTTTGTTCGCTGCTGCATGT	7350
Sbjct	351	AGATTTTCTTCTGTTTGCAGCAGAGCTTCAATGTCATTTTGTTCGCTGCTGCATGT	292
Query	7351	ATACCCTACTAATGTTTGGATCAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTG	7410
Sbjct	291	ATACCCTACTAATGTTTGGATCAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTG	232

Group 2

```

Query 7411 GTTAGTAAGTTATTTTGCTGCTATTCTAATGACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGC 7470
          |||||||
Sbjct 231 GTTAGTAAGTTATTTTGCTGCTATTCTAATGACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGC 172

Query 7471 TTAATAAATTTGACCATTTCCAATTAAATTCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGG 7530
          |||||||
Sbjct 171 TTAATAAATTTGACCATTTCCAATTAAATTCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGG 112

Query 7531 TCTGAACTAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTTCAGGTGTTAAAAGATGTTTAGGTGTC 7590
          |||||||
Sbjct 111 TCTGAACTAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTTCAGGTGTTAAAAGATGTTTAGGTGTC 52

Query 7591 TGCCCCGTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCTTCATGA 7641
          |||||||
Sbjct 51 TGCCCCGTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCTTCATGA 1

```

Score = 285 bits (148), Expect = 3e-72
 Identities = 192/209 (91%), Gaps = 5/209 (2%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 642 ATATTTAAGATAAATGTAGACAAATTTGTTCTTCTACCATTTTGACAAAAATGAAAGA 701
          ||||| || |||||||
Sbjct 5339 ATATTTAAGATAAATGTAGACAAATTTGTT-TTCCTGCCATTTTGACAAAAATGAAGGA 5281

Query 702 TCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAATTATCCATAAATT 761
          ||||| |||||||
Sbjct 5280 TCTATGAAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATT 5221

Query 762 TATATAATTTTATGAATAATTTATCATTTATTTGGGTAAATTTTATAAATATGAAAGTTT 821
          || |||||||
Sbjct 5220 TACATAATTTTATGAA---TTATCATTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTT 5165

Query 822 CTTTTATGGGTCAAATGTATAATTTATT 850
          |||||||
Sbjct 5164 CTTTTATGAGTCAAATGTATAATTTATT 5136

```

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1099 ACCCCTAGAGTAAACCTTAAGGTTACCC-AACCAATAGAAATCACTCATTTTCACAGTTGA 1157
          ||||||| || || ||||||| ||||| |||||
Sbjct 5801 ACCCCTAGAGTGAACATTTAGGTTACCCCAACCAATAGGAATCAAGTATTTTCATAATTAA 5860

Query 1158 TATCTTTTA-AAAAAGTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTAAAATAAAAA 1216
          ||| ||||| ||||||| |||||||
Sbjct 5861 TATTTTTTTTAAAAAGAAAAGAAAATATTGTCAAGTTATATTATGTTTTTAAAATAAATA 5920

Query 1217 TATTAAAAAATAAAAAATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAAGATTTTAAAT 1276
          | || |||| ||||||| | |||||| | |||| |||
Sbjct 5921 AAATATAAAAAAATAATAAGCCGTTACAAAAATGAATTTTTTGAAAACATTTTTTAAAT 5980

```

Group 2

Query 1277 TTCGTCAACAAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCT 1321
 ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 5981 ATCGTCAA-AAAACACTAAACCTTAAACCCTAAATCCTAAACCCT 6024

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1619 AGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGTTTT-TTGACGATATTAAAAATAGTTTT 1677
 ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 6322 AGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGTTTTGTTGACGAAATTAAAATCTTTTAA 6381

Query 1678 CAAAAATTCATTTTTTTGTAACGGCTATTATTTTTTTTTTATATTTTATTTATTTTAAAAA 1737
 |||| | ||||| | ||||| ||||| |||| | | ||||| |||||
 Sbjct 6382 AAAAATCTTTTTTTTTTGCATATATTATTATTTTTATTTTTTAATATTTTTATTTTAAAAA 6441

Query 1738 CATAATATAACTTGACAATATTTTCTTTTCTTTTAAAAAAAATATTAATTATGAAATAC 1797
 ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 6442 TGTAATATAACTCGACAATATTTTGTCTTACTTTTT-TAAAAGATATCAACTGTGAAATGA 6500

Query 1798 TTGATTCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAGGGGT 1842
 |||| | ||||| ||||| ||||| || || || ||||| |||||
 Sbjct 6501 GTGATTTCTATTGGTT-GGTGAACCTTAAGGTTTACTCTAGGGGT 6544

Score = 69.9 bits (36), Expect = 2e-07
 Identities = 54/63 (85%), Gaps = 0/63 (0%)
 Strand=Plus/Minus

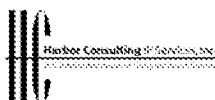
Query 689 AAAAAATGAAAGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAA 748
 ||||| |||| | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 5390 AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAATATATTTAAAA 5331

Query 749 TTA 751
 |||
 Sbjct 5330 TTA 5328

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGGATAAATACTAAAC 1337
 |||| | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 6162 AAACCCTAAACCCTAAATTCTAAACCCTAAACCCTTGGATAAATCATAAAC 6212

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus



Group 2

```
Query    1431  GTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTT  1481
        |||||
Sbjct    6306  GTTTAGTATTTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGTTT  6356
```

Score = 62.2 bits (32), Expect = 4e-05
Identities = 52/62 (83%), Gaps = 0/62 (0%)
Strand=Plus/Minus

```

Query    565      TACCCAAGGGTTCCGGATTTAGGATTCAAGGTTTtagagTTTtaggATTTtaggTTTtagTGT    624
          |||||
Sbjct    6130      TACCCAAGGGTTTtagGGTTTAGGATTtagGGTTtagGGTTtagAATTTtagGGTTtagGGT    6071

Query    625      TT      626
          ||
Sbjct    6070      TT      6069

```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 50/63 (79%), Gaps = 0/63 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query	545	TTACCCAATGGTCTCGGATTTCACCAAGGGTTCCGGATTTAGGATTCAAGGTTTAGAGTT		604
Sbjct	6057	TTATCCAAGGGTTTAGGGTATAACCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTAGGGTTTAAGGT		5998
 Query	 605	 TAG		 607
Sbjct	5997	TAG		5995

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1292 CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCT 1321
          |||||
Sbjct 6088 CTAACCCTAAACCCTAAATCCTAAACCCT 6117
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 44/54 (81%), Gaps = 0/54 (0%)
Strand=Plus/Plus

```

Query    1500  AGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTT    1553
          |||||
Sbjct    6303  AGGGTTTAGTATTTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGTTT    6356

```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
Strand=Plus/Plus

Group 2

Query 1526 AGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAG 1555
 |||||
 Sbjct 6322 AGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAG 6351

Score = 44.9 bits (23), Expect = 6.5
 Identities = 33/38 (86%), Gaps = 0/38 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGG 1324
 |||||
 Sbjct 6090 AAACCCTAAACCCTAAATCCTAAACCCTAAACCCTTGG 6127

- **SEQ 2 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 3930 bits (2044), Expect = 0.0
 Identities = 2044/2044 (100%), Gaps = 0/2044 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query 1 ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTCTCCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA 60
 |||||
 Sbjct 2550 ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTCTCCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA 2491

Query 61 TTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA 120
 |||||
 Sbjct 2490 TTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA 2431

Query 121 GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA 180
 |||||
 Sbjct 2430 GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA 2371

Query 181 GAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT 240
 |||||
 Sbjct 2370 GAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT 2311

Query 241 GATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTTCT 300
 |||||
 Sbjct 2310 GATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTTCT 2251

Query 301 CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG 360
 |||||
 Sbjct 2250 CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG 2191

Query 361 ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCTTTGCTTTGTCTACATTTGGTAAGATC 420
 |||||
 Sbjct 2190 ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCTTTGCTTTGTCTACATTTGGTAAGATC 2131

Group 2

Query	421	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	480
Sbjct	2130	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	2071
Query	481	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAAACGACATGT	540
Sbjct	2070	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAAACGACATGT	2011
Query	541	AGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTGGATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	600
Sbjct	2010	AGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTGGATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	1951
Query	601	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	660
Sbjct	1950	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	1891
Query	661	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACTGAAT	720
Sbjct	1890	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACTGAAT	1831
Query	721	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	780
Sbjct	1830	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	1771
Query	781	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	840
Sbjct	1770	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	1711
Query	841	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	900
Sbjct	1710	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	1651
Query	901	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	960
Sbjct	1650	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	1591
Query	961	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAATGCATTTGTCAAGGAAGGCAAG	1020
Sbjct	1590	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAATGCATTTGTCAAGGAAGGCAAG	1531
Query	1021	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1080
Sbjct	1530	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1471
Query	1081	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1140
Sbjct	1470	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1411
Query	1141	CACATGTTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1200
Sbjct	1410	CACATGTTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1351

Group 2

Query	1201	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCTCCATGAG	1260
Sbjct	1350	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCTCCATGAG	1291
Query	1261	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTC	1320
Sbjct	1290	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTC	1231
Query	1321	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1380
Sbjct	1230	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1171
Query	1381	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	1440
Sbjct	1170	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	1111
Query	1441	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1500
Sbjct	1110	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1051
Query	1501	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	1560
Sbjct	1050	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	991
Query	1561	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	1620
Sbjct	990	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	931
Query	1621	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	1680
Sbjct	930	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	871
Query	1681	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	1740
Sbjct	870	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	811
Query	1741	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	1800
Sbjct	810	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	751
Query	1801	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	1860
Sbjct	750	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	691
Query	1861	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	1920
Sbjct	690	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	631
Query	1921	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	1980
Sbjct	630	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	571

Group 2

```

Query 1981 TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 570 TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT 511

Query 2041 ATGG 2044
          ||||
Sbjct 510 ATGG 507

```

Score = 43.0 bits (22), Expect = 5.9
 Identities = 22/22 (100%), Gaps = 0/22 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 2043 GGATCTATCATTGTTGGGGGATGA 2064
          ||||||||||||||||||||
Sbjct 381 GGATCTATCATTGTTGGGGGATGA 360

```

- **SEQ 1 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669 with the intron at nucleotides 167,459-167,585 removed) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1.166e+04 bits (6062), Expect = 0.0
 Identities = 6079/6085 (99%), Gaps = 1/6085 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 1052 ATGGAGGCACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA 1111
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 6464 ATGGAGGCACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA 6405

Query 1112 ACCTTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTCACAGTTGATATCTTTTAAAAAA 1171
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 6404 ACCTTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTCACAGTTGATATCTTTTAAAAAA 6345

Query 1172 GTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTTAAAATAAAAATATTAAAAAATAAAA 1231
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 6344 GTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTTAAAATAAAAATATTAAAAAATAAAA 6285

Query 1232 ATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAGATTTTAATTTTCGTCAACAAAACA 1291
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 6284 ATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAGATTTTAATTTTCGTCAACAAAACA 6225

Query 1292 CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGGATAAATACTAAACCCTAAATTAAAAAC 1351
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 6224 CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGGATAAATACTAAACCCTAAATTAAAAAC 6165

Query 1352 ATTAAACCATAATAGTATTTTTAAGATTTAATGTTTTAGTGTTTAGTGTTTTGATTTAG 1411
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 6164 ATTAAACCATAATAGTATTTTTAAGATTTAATGTTTTAGTGTTTAGTGTTTTGATTTAG 6105

```

Group 2

Query	1412	AATTTAGGATTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGG	1471
Sbjct	6104	AATTTAGGATTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGG	6045
Query	1472	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	1531
Sbjct	6044	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCCAAGGGTCTATGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	5985
Query	1532	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCC	1591
Sbjct	5984	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAAATTATCC	5925
Query	1592	AAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGT	1651
Sbjct	5924	AAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGT	5865
Query	1652	TTTTTGACGATATTAAAAATAGTTTTCAAAAATTCATTTTTGTACGGCTATTATTTTT	1711
Sbjct	5864	TTTTTGACGATATTAAAAATAGTTTTCAAAAATTCATTTTTGTACGGCTATTATTTTT	5805
Query	1712	TTTTTATATTTTATTTATTTTAAAAACATAATAACTTGACAATATTTCTTTTCTTTT	1771
Sbjct	5804	TTTTTATATTTTATTTATTTTAAAAACATAATAACTTGACAATATTTCTTTTCTTTT	5745
Query	1772	TAAAAAAATATTAATTATGAAATACTTGATTCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTC	1831
Sbjct	5744	TAAAAAAATATTAATTATGAAATACTTGATTCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTC	5685
Query	1832	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTGGGGTGAAATAGCACTATAGCGGA	1891
Sbjct	5684	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTGGGGTGAAATAGCACTATAGCGGA	5625
Query	1892	TATCTTTTTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATG	1951
Sbjct	5624	TATCTTTTTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAGTCAAGAACTTGGGATG	5565
Query	1952	ATTGGAAATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATG	2011
Sbjct	5564	ATTGGAAATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATG	5505
Query	2012	ATCCTTGAAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCAATT	2071
Sbjct	5504	ATCCTTGAAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCAATT	5445
Query	2072	TATTAACAAATTTGTCATTTTATTAACAATTTTGTCAATTTTATAAACATGAAAATTATA	2131
Sbjct	5444	TATTAACAAATTTGTCATTTTATTAACAATTTTGTCAATTTTATAAACATGAAAATTATA	5385
Query	2132	ACGAATGCACTTTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCATTTTATTTTTGGGAAAAAAATGTAG	2191
Sbjct	5384	ACGAATGCACTTTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCATTTTATTTTTGGGAAAAAAATGTAG	5325

Group 2

Query	2192	CATTTTCGTGAGTGTTTCTATTTTTGGCAAAAACAAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAA	2251
Sbjct	5324	CATTTTCGTGAGTGTTTCTATTTTTGGCAAAAACAAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAA	5265
Query	2252	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACTATATTAAA	2311
Sbjct	5264	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACTATATTAAA	5205
Query	2312	ATTAAATGTAGACAAATTTGTTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAG	2371
Sbjct	5204	ATTAAATGTAGACAAATTTGTTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAG	5145
Query	2372	GTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	2431
Sbjct	5144	GTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	5085
Query	2432	TTATGAATTATCATTTATTTGGGTAGATTTTCATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	2491
Sbjct	5084	TTATGAATTATCATTTATTTGGGTAGATTTTCATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	5025
Query	2492	AAATGTATAATTTATTGGGTAACTTTCATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTA	2551
Sbjct	5024	AAATGTATAATTTATTGGGTAACTTTCATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTA	4965
Query	2552	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAAAGTAGT	2611
Sbjct	4964	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAAAGTAGT	4905
Query	2612	TGCTCATATATGATTTTTTAAATATTAAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGAATGT	2671
Sbjct	4904	TGCTCATATATGATTTTTTAAATATTAAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGAATGT	4845
Query	2672	TTATGGAATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAAATTATTTTTTATAG	2731
Sbjct	4844	TTATGGGATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAAATTATTTTTTATAG	4785
Query	2732	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAACCTGCCAAGTTTAATAGGCAA	2791
Sbjct	4784	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAACCTGCCAAGTTTAATAGGCAA	4725
Query	2792	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATAT	2851
Sbjct	4724	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATAT	4665
Query	2852	AAACTTGAGGTGGCCTATTTTTCTAATTCAAACCTTAAAAGTTGCCCTTTCCCCTAATTGA	2911
Sbjct	4664	AAATTTGAGGTGGCCTATTTTCTAATTCAAACCTTAAAAGTTGCCCTTTCCCCTAATTGA	4605
Query	2912	CCCATAAAAGAATGAAAGACATTTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATT	2971
Sbjct	4604	CCCATAAAAGAATGAAAGACATTTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATT	4545

Group 2

Query	2972	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTA	3031
Sbjct	4544	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTA	4485
Query	3032	TTGCGCCGTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTATCACTAACA	3091
Sbjct	4484	TTGCGCCGTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTATCACTAACA	4425
Query	3092	ACATATTCATAGATTTTGTGTTATCACTTGTTCTGTGTTTCCTGATCATATACTTGACTCAG	3151
Sbjct	4424	ACATATTCATAGATTTTGTGTTATCACTTGTTCTGTGTTTCCTGATCATATACTTGACTCAG	4365
Query	3152	TTTCTGTGATTTTCATCAAGTTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAACGAGCAGAGC	3211
Sbjct	4364	TTTCTGTGATTTTCATCAAGTTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAACGAGCAGAGC	4305
Query	3212	TGCTCTTACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAA	3271
Sbjct	4304	TGCTCTTACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAA	4245
Query	3272	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTATTTTATATTTAGTTCATTTTTTTTTTGACATC	3331
Sbjct	4244	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTATTTTATATTTAGTTCATTTTTTTTTTGACATC	4185
Query	3332	TTTTATATTTAGTTTAGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAATTT	3391
Sbjct	4184	TTTTATATTTAGTTTAGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAATTT	4125
Query	3392	ATAAAATAGCATAATTTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCTAAATAACAATAAT	3451
Sbjct	4124	ATAAAATAGCATAATTTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCTAAATAACAATAAT	4065
Query	3452	TATAATATTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATA	3511
Sbjct	4064	TATAATATTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATA	4005
Query	3512	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTTAGATTTTTTTCAACAAATTTTGTTATAGCTAAAA	3571
Sbjct	4004	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTTAGATTTTTTTCAACAAATTTTGTTATAGCTAAAA	3945
Query	3572	TAAAATTCAAATGTATTGTTAAAATTGATTTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTTAATA	3631
Sbjct	3944	TAAAATTCAAATGTATTGTTAAAATTGATTTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTTAATA	3885
Query	3632	TAAATAAACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAACTAGG	3691
Sbjct	3884	TAAATAAACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAACTAGG	3825
Query	3692	GGTGGGCGTTTCGGGTACCTATTTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTTCGGATTTTCGGATTTTT	3751
Sbjct	3824	GGTGGGCGTTTCGGGTACCTATTTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTTCGGATTTTCGGATTTTT	3765

Group 2

Query	3752	GGGGTCAAAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGG	3811
Sbjct	3764	GGGGTCAAAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGG	3705
Query	3812	ATCCTTGCGGATTTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAAATTTTAAA	3871
Sbjct	3704	ATCCTTGCGGATTTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAAATTTTAAA	3645
Query	3872	ATTTCAATTATATATTTTAAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAA	3931
Sbjct	3644	ATTTCAATTATATATTTTAAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAA	3585
Query	3932	ATTTCAATAATATGTGTCTGAAGTACCAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTGGATA	3991
Sbjct	3584	ATTTCAATAATATGTGTCTGAAGTACCAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTGGATA	3525
Query	3992	TTTGGATAGAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTTGAGTATGCTTTAACTA	4051
Sbjct	3524	TTTGGATAGAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTTGAGTATGCTTTAACTA	3465
Query	4052	TTTATACATGTACTTTTTAATGTTTTTATATATTTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAG	4111
Sbjct	3464	TTTATACATGTACTTTTTAATGTTTTTATATATTTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAG	3405
Query	4112	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	4171
Sbjct	3404	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	3345
Query	4172	ATGTATATTAATCTATTTTCGGATACATTTCGGATATCCAAAATATTTTGGTTCGGATCGGG	4231
Sbjct	3344	ATGTATATTAATCTATTTTCGGATACATTTCGGATATCCAAAATATTTTGGTTCGGATCGGG	3285
Query	4232	TTCGGTTTTGGTTCTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAATTAATTTTC	4291
Sbjct	3284	TTCGGTTTTGGTTCTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAATTAATTTTC	3225
Query	4292	GGTTCGGATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTAGTTT	4351
Sbjct	3224	GGTTCGGATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTAGTTT	3165
Query	4352	TTTTGTCCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAG	4411
Sbjct	3164	TTTTGTCCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAG	3105
Query	4412	ATTTTGGTTAGGTCTTTCTAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTTCTCATTGCAGTGTG	4471
Sbjct	3104	ATTTTGGTTAGGTCTTTCTAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTTCTCATTGCAGTGTG	3045
Query	4472	GTATGTCCAACCTCATTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAATGTTTAGTT	4531
Sbjct	3044	GTATGTCCAACCTCATTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAATGTTTAGTT	2985

Group 2

Query	4532	ACTTAAGAGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAAGTAAAT	4591
Sbjct	2984	ACTTAAGAGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAAGTAAAT	2925
Query	4592	-AACTTTGTTTATATTTTAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGTTC	4650
Sbjct	2924	AAACTTTGTTTATATTTTAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGTTC	2865
Query	4651	AATAAAAATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGAT	4710
Sbjct	2864	AATAAAAATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGAT	2805
Query	4711	AAATTTTTATGATCGTTTAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTG	4770
Sbjct	2804	AAATTTTTATGATCGTTTAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTG	2745
Query	4771	GTCGTCTTGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGG	4830
Sbjct	2744	GTCGTCTTGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGG	2685
Query	4831	AACTCTACTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAAT	4890
Sbjct	2684	AACTCTACTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAAT	2625
Query	4891	CATGTGGCCCTGTGGGTTTAAACAAGGAAGTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAAC	4950
Sbjct	2624	CATGTGGCCCTGTGGGTTTAAACAAGGAAGTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAAC	2565
Query	4951	CGGAAATTGTATAATTCAAAGTGAACCGGTTCTTGTAACAAATGGAACCCGTTTGTAC	5010
Sbjct	2564	CGGAAATTGTATAATTCAAAGTGAACCGGTTCTTGTAACAAATGGAACCCGTTTGTAC	2505
Query	5011	TTTATCTCTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAAAA	5070
Sbjct	2504	TTTATCTCTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAAAA	2445
Query	5071	TTTAGGCGAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTTCT	5130
Sbjct	2444	TTTAGGCGAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTTCTTCTTCT	2385
Query	5131	CCTGCTGAGTCTGCGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAG	5190
Sbjct	2384	CCTGCTGAGTCTGCGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAG	2325
Query	5191	GCAAGCGGAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTGAAGCTGCAAAGTGGG	5250
Sbjct	2324	GCAAGCGGAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTGAAGCTGCAAAGTGGG	2265
Query	5251	TTTCATGAAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCT	5310
Sbjct	2264	TTTCATGAAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCT	2205

Group 2

Query	5311	CGTCCTTTACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAA	5370
Sbjct	2204	CGTCCTTTACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAA	2145
Query	5371	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGAT	5430
Sbjct	2144	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGAT	2085
Query	5431	ATATACAGCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCT	5490
Sbjct	2084	ATATACAGCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCT	2025
Query	5491	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACC	5550
Sbjct	2024	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACC	1965
Query	5551	ACCCTGCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCAT	5610
Sbjct	1964	ACCCTGCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCAT	1905
Query	5611	CAAATGTTTGAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACTTTGATGAACGGT	5670
Sbjct	1904	CAAATGTTTGAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACTTTGATGAACGGT	1845
Query	5671	CTTTGCCGCGAGGGTAGAATTGTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	5730
Sbjct	1844	CTTTGCCGCGAGGGTAGAATTGTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	1785
Query	5731	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	5790
Sbjct	1784	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	1725
Query	5791	GATACTGTGTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCC	5850
Sbjct	1724	GATACTGTGTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCC	1665
Query	5851	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	5910
Sbjct	1664	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	1605
Query	5911	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTAC	5970
Sbjct	1604	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTAC	1545
Query	5971	AACAGTATGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	6030
Sbjct	1544	AACAGTATGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	1485
Query	6031	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAAT	6090
Sbjct	1484	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAAT	1425

Group 2

Query	6091	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	6150
Sbjct	1424	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	1365
Query	6151	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAG	6210
Sbjct	1364	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAG	1305
Query	6211	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	6270
Sbjct	1304	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	1245
Query	6271	AACCTAATCACTTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	6330
Sbjct	1244	AACCTAATCACTTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	1185
Query	6331	GGAATGGAACCTTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	6390
Sbjct	1184	GGAATGGAACCTTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	1125
Query	6391	AACACTCTTATTACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	6450
Sbjct	1124	AACACTCTTATTACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	1065
Query	6451	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGAT	6510
Sbjct	1064	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGAT	1005
Query	6511	GGTCTCTGCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAG	6570
Sbjct	1004	GGTCTCTGCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAG	945
Query	6571	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAAC	6630
Sbjct	944	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAAC	885
Query	6631	TACAATATATTGATCAGCGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	6690
Sbjct	884	TACAATATATTGATCAGCGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	825
Query	6691	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATC	6750
Sbjct	824	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATC	765
Query	6751	GATGGATTATGCAAGCAGAGCCGCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGT	6810
Sbjct	764	GATGGATTATGCAAGCAGAGCCGCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGT	705
Query	6811	AGCAAGAGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAG	6870
Sbjct	704	AGCAAGAGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAG	645

Group 2

Query	6871	GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCGAAGAGGGATAGTT	6930
Sbjct	644	GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCGAAGAGGGATAGTT	585
Query	6931	GCTAACGCAATTACTTACATCACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAAT	6990
Sbjct	584	GCTAACGCAATTACTTACATCACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAAT	525
Query	6991	GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACC	7050
Sbjct	524	GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACC	465
Query	7051	ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATG	7110
Sbjct	464	ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATG	405
Query	7111	CTTGAGAACTGCAGATGAGTATGG	7135
Sbjct	404	CTTGAGAACTGCAGATGAGTATGG	380

Score = 733 bits (381), Expect = 0.0
 Identities = 381/381 (100%), Gaps = 0/381 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query	7261	GGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTTCTTCTGTTTGC GCAGCAGAGCTT	7320
Sbjct	381	GGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTTCTTCTGTTTGC GCAGCAGAGCTT	322
Query	7321	CAATGTCATTTTGTCTGCTGCTGCATGTATACCCTACTAATGTTTGATCAAATCGTTG	7380
Sbjct	321	CAATGTCATTTTGTCTGCTGCTGCATGTATACCCTACTAATGTTTGATCAAATCGTTG	262
Query	7381	AATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTAAGTTATTTTGCTGCTATTCTAAT	7440
Sbjct	261	AATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTAAGTTATTTTGCTGCTATTCTAAT	202
Query	7441	GACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGCTTAATAAATTTGACCATTTCCAATTAAATT	7500
Sbjct	201	GACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGCTTAATAAATTTGACCATTTCCAATTAAATT	142
Query	7501	CCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGGTCTGAACTAAAGAGGCACACCTTCCAGAAG	7560
Sbjct	141	CCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGGTCTGAACTAAAGAGGCACACCTTCCAGAAG	82
Query	7561	ATTTTCAGGTGTTAAAAGATGTTTAGGTGTCTGCCC GTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTAT	7620
Sbjct	81	ATTTTCAGGTGTTAAAAGATGTTTAGGTGTCTGCCC GTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTAT	22
Query	7621	CGTCAAGCTCGGTCTTCATGA	7641
Sbjct	21	CGTCAAGCTCGGTCTTCATGA	1

Group 2

Score = 285 bits (148), Expect = 3e-72
Identities = 192/209 (91%), Gaps = 5/209 (2%)
Strand=Plus/Minus

```
Query 642 ATATTTAAGATAAATGTAGACAAATTTGTTCTTCCTACCATTTTGACAAAAATGAAAGA 701
      ||||| || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5212 ATATTTAAATTAATGTAGACAAATTTGTT-TTCCTGCCATTTTGACAAAAATGAAGGA 5154

Query 702 TCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAATTATCCATAAATT 761
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5153 TCTATGAAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATT 5094

Query 762 TATATAATTTTATGAATAATTTATCATTTATTTGGGTAAATTTTATAAATATGAAAGTTT 821
      || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5093 TACATAATTTTATGAA---TTATCATTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTT 5038

Query 822 CTTTTATGGGTCAAATGTATAATTTATT 850
      ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5037 CTTTTATGAGTCAAATGTATAATTTATT 5009
```

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1099 ACCCCTAGAGTAAACCTTAAGGTTACACC-AACCAATAGAAATCACTCATTTTACAGTTGA 1157
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5674 ACCCCTAGAGTGAACATTTAGGTTACCCCAACCAATAGGAATCAAGTATTTTATAATTAA 5733

Query 1158 TATCTTTTA-AAAAAGTAAACAAAATATTGTGAGTTATATTACATTTTAAAAATAAAAA 1216
      ||| |||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5734 TATTTTTTTTAAAAAGAAAAGAAAATATTGTCAAGTTATATTATGTTTTTAAAAATAAATA 5793

Query 1217 TATTAAAAAATAAAAAATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTTAAAAAGATTTTAAT 1276
      | || |||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5794 AAATATAAAAAAATAATAATAGCCGTTACAAAAATGAATTTTTGAAAACATTTTAAAT 5853

Query 1277 TTCGTCAACAAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCT 1321
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5854 ATCGTCAA-AAAACACTAAACCTTAAACCCTAAATCCTAAACCCT 5897
```

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
Strand=Plus/Plus

```
Query 1619 AGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGTTTT-TTGACGATATTAAAAATAGTTTT 1677
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 6195 AGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGTTTTGTTGACGAAATTAAATCTTTTTA 6254
```

Group 2

```

Query 1678 CAAAAATTCATTTTTTTGTAACGGCTATTATTTTTTTTTTATATTTTATTTATTTTAAAAA 1737
          |||| | ||||| | ||||| |||| | | ||||| |||||
Sbjct 6255 AAAAATCTTTTTTTTTGCATATATTATTATTTTTATTTTTTAATATTTTATTTTAAAAA 6314

Query 1738 CATAATATAACTTGACAATATTTTCTTTTCTTTTAAAAAAAATATTAATTATGAAATAC 1797
          ||||| ||||| ||||| |||| | |||| | |||| | |||| |
Sbjct 6315 TGTAATATAACTCGACAATATTTTGTCTTACTTTTT-TAAAAGATATCAACTGTGAAATGA 6373

Query 1798 TTGATTCTTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAGGGGT 1842
          |||| | ||||| ||||| ||||| |||| | |||| | |||| |
Sbjct 6374 GTGATTTCTATTGGTT-GGTGAACCTTAAGGTTTACTCTAGGGGT 6417

```

Score = 69.9 bits (36), Expect = 2e-07
 Identities = 54/63 (85%), Gaps = 0/63 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 689 AAAAAATGAAAGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTTATGAAAA 748
          ||||| |||| | ||||| ||||| ||||| ||||| |||| | |||| |
Sbjct 5263 AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAATTTATTAAATTTACCCAATATATTAAAA 5204

Query 749 TTA 751
          |||
Sbjct 5203 TTA 5201

```

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGGATAAAATACTAAAC 1337
          |||| ||||| |||| | |||| | ||||| ||||| |||| |
Sbjct 6035 AAACCCTAAACCCTAAATTCTAAACCCTAAACCCTTGGATAAATCATAAAC 6085

```

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1431 GTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTT 1481
          |||| | ||||| ||||| ||||| |||| | |||| | |||| |
Sbjct 6179 GTTTAGTATTTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGT 6229

```

Score = 62.2 bits (32), Expect = 4e-05
 Identities = 52/62 (83%), Gaps = 0/62 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 565 TACCCAAGGGTTCCGGATTTAGGATTCAAGGTTTAGAGTTTAGGATTTTAGGTTTAGTGT 624
          ||||| |||| | ||||| |||| | |||| | |||| | |||| |
Sbjct 6003 TACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGT 5944

```

Group 2

Query 625 TT 626
 ||
 Sbjct 5943 TT 5942

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 50/63 (79%), Gaps = 0/63 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query 545 TTACCCAATGGTTCTGGATTTACCCAAGGGTTCCGGATTTAGGATTCAAGGTTTAGAGTT 604
 ||| |||| |||| || | ||||| ||||| || ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 5930 TTATCCAAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTAGGGTTTAAGGTT 5871

Query 605 TAG 607
 |||
 Sbjct 5870 TAG 5868

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1292 CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCT 1321
 ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 5961 CTAAACCCTAAACCCTAAATCCTAAACCCT 5990

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 44/54 (81%), Gaps = 0/54 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1500 AGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTT 1553
 ||||| ||| | || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 6176 AGGGTTTAGTATTTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGTTT 6229

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1526 AGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAG 1555
 ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 6195 AGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAG 6224

Score = 44.9 bits (23), Expect = 6.5
 Identities = 33/38 (86%), Gaps = 0/38 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCTTGG 1324
 |||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 Sbjct 5963 AAACCCTAAACCCTAAATCCTAAACCCTAAACCCTTGG 6000

Group 2

- **SEQ 2 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669 with the intron at nucleotides 167,459-167,585 removed) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 3969 bits (2064), Expect = 0.0
 Identities = 2064/2064 (100%), Gaps = 0/2064 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query	1	ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTCTTCTCCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA	60
Sbjct	2423	ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTCTTCTCCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA	2364
Query	61	TTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA	120
Sbjct	2363	TTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA	2304
Query	121	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	180
Sbjct	2303	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	2244
Query	181	GAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT	240
Sbjct	2243	GAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT	2184
Query	241	GATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTTCT	300
Sbjct	2183	GATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTTCT	2124
Query	301	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	360
Sbjct	2123	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	2064
Query	361	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCTTTGTCTACATTTGGTAAGATC	420
Sbjct	2063	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCTTTGTCTACATTTGGTAAGATC	2004
Query	421	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	480
Sbjct	2003	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	1944
Query	481	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAAACGACATGT	540
Sbjct	1943	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAAACGACATGT	1884
Query	541	AGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACTTTGATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	600
Sbjct	1883	AGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACTTTGATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	1824

Group 2

Query	601	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	660
Sbjct	1823	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	1764
Query	661	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACTGAAT	720
Sbjct	1763	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACTGAAT	1704
Query	721	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	780
Sbjct	1703	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	1644
Query	781	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	840
Sbjct	1643	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	1584
Query	841	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	900
Sbjct	1583	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	1524
Query	901	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	960
Sbjct	1523	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	1464
Query	961	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTTGTCAAGGAAGGCAAG	1020
Sbjct	1463	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTTGTCAAGGAAGGCAAG	1404
Query	1021	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1080
Sbjct	1403	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1344
Query	1081	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1140
Sbjct	1343	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1284
Query	1141	CACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1200
Sbjct	1283	CACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1224
Query	1201	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTCTCCATGAG	1260
Sbjct	1223	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTCTCCATGAG	1164
Query	1261	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTC	1320
Sbjct	1163	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTC	1104
Query	1321	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1380
Sbjct	1103	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1044

Group 2

Query	1381	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	1440
Sbjct	1043	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	984
Query	1441	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1500
Sbjct	983	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	924
Query	1501	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	1560
Sbjct	923	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	864
Query	1561	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	1620
Sbjct	863	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	804
Query	1621	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	1680
Sbjct	803	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	744
Query	1681	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	1740
Sbjct	743	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	684
Query	1741	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	1800
Sbjct	683	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	624
Query	1801	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	1860
Sbjct	623	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	564
Query	1861	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	1920
Sbjct	563	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	504
Query	1921	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	1980
Sbjct	503	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	444
Query	1981	TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT	2040
Sbjct	443	TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT	384
Query	2041	ATGGATCTATCATTTGGGGGATGA	2064
Sbjct	383	ATGGATCTATCATTTGGGGGATGA	360

Group 2

- **SEQ 3 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 179 from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1380 bits (3573), Expect = 0.0

Identities = 687/687 (100%), Positives = 687/687 (100%), Gaps = 0/687 (0%)

Query	1	MLARVCGFKCSSSPAESAARLFCTRSIRDTLAKASGESCEAGFGGESLKLQSGFHEIKGL	60
		MLARVCGFKCSSSPAESAARLFCTRSIRDTLAKASGESCEAGFGGESLKLQSGFHEIKGL	
Sbjct	1	MLARVCGFKCSSSPAESAARLFCTRSIRDTLAKASGESCEAGFGGESLKLQSGFHEIKGL	60
Query	61	EDAIDLFSDMLRSRPLPSVVD FCKLMGVVVRMERPD LVISLYQKMERKQIRCDIYSFNIL	120
		EDAIDLFSDMLRSRPLPSVVD FCKLMGVVVRMERPD LVISLYQKMERKQIRCDIYSFNIL	
Sbjct	61	EDAIDLFSDMLRSRPLPSVVD FCKLMGVVVRMERPD LVISLYQKMERKQIRCDIYSFNIL	120
Query	121	IKCFCSCSKLPFALSTFGKITKLGLHPDVVTF TLLHGLCVEDRVSEALDFFHQMFETTC	180
		IKCFCSCSKLPFALSTFGKITKLGLHPDVVTF TLLHGLCVEDRVSEALDFFHQMFETTC	
Sbjct	121	IKCFCSCSKLPFALSTFGKITKLGLHPDVVTF TLLHGLCVEDRVSEALDFFHQMFETTC	180
Query	181	RPNVVTFTTLMNGLCREGRIVEAVALDRMMEDGLQPTQITYGTIVDGMCKKGDTV SALN	240
		RPNVVTFTTLMNGLCREGRIVEAVALDRMMEDGLQPTQITYGTIVDGMCKKGDTV SALN	
Sbjct	181	RPNVVTFTTLMNGLCREGRIVEAVALDRMMEDGLQPTQITYGTIVDGMCKKGDTV SALN	240
Query	241	LLRKMEEVSHIIPNVVIYSAIIDSLCKDGRHSDAQNLFTMQEKGIFPDLFTYNSMIVGF	300
		LLRKMEEVSHIIPNVVIYSAIIDSLCKDGRHSDAQNLFTMQEKGIFPDLFTYNSMIVGF	
Sbjct	241	LLRKMEEVSHIIPNVVIYSAIIDSLCKDGRHSDAQNLFTMQEKGIFPDLFTYNSMIVGF	300
Query	301	CSSGRWSDAEQLLQEMLERKISPDVVTYNALINAFVKEGKFFEAEEELYDEMLPRGIIPNT	360
		CSSGRWSDAEQLLQEMLERKISPDVVTYNALINAFVKEGKFFEAEEELYDEMLPRGIIPNT	
Sbjct	301	CSSGRWSDAEQLLQEMLERKISPDVVTYNALINAFVKEGKFFEAEEELYDEMLPRGIIPNT	360
Query	361	ITYSSMIDGFCKQNRDLAAEHMFYLMATKGCSPNLITFNTLIDGYCGAKRIDDGMELLHE	420
		ITYSSMIDGFCKQNRDLAAEHMFYLMATKGCSPNLITFNTLIDGYCGAKRIDDGMELLHE	
Sbjct	361	ITYSSMIDGFCKQNRDLAAEHMFYLMATKGCSPNLITFNTLIDGYCGAKRIDDGMELLHE	420
Query	421	MTETGLVADTTTYNTLIHGFYLVGDLNAA LDLLQEMISSGLCPDIVTCDTLLDGLCDNGK	480
		MTETGLVADTTTYNTLIHGFYLVGDLNAA LDLLQEMISSGLCPDIVTCDTLLDGLCDNGK	
Sbjct	421	MTETGLVADTTTYNTLIHGFYLVGDLNAA LDLLQEMISSGLCPDIVTCDTLLDGLCDNGK	480
Query	481	LKDALEMFKVMQKSKKDL DASHPFNGVEPDVQTYNILISGLINEGKFLEAEELYEEMPHR	540
		LKDALEMFKVMQKSKKDL DASHPFNGVEPDVQTYNILISGLINEGKFLEAEELYEEMPHR	
Sbjct	481	LKDALEMFKVMQKSKKDL DASHPFNGVEPDVQTYNILISGLINEGKFLEAEELYEEMPHR	540
Query	541	GIVPDTITYSSMIDGLCKQSR LDEATQMFD SMGSKSFSPNVVTFTTLINGYCKAGRVD DG	600
		GIVPDTITYSSMIDGLCKQSR LDEATQMFD SMGSKSFSPNVVTFTTLINGYCKAGRVD DG	
Sbjct	541	GIVPDTITYSSMIDGLCKQSR LDEATQMFD SMGSKSFSPNVVTFTTLINGYCKAGRVD DG	600
Query	601	LELFCEMGRRGIVANAITYITLICGFRKVG NINGALDIFQEMISSGVYPDTITIRNMLTG	660
		LELFCEMGRRGIVANAITYITLICGFRKVG NINGALDIFQEMISSGVYPDTITIRNMLTG	
Sbjct	601	LELFCEMGRRGIVANAITYITLICGFRKVG NINGALDIFQEMISSGVYPDTITIRNMLTG	660

Group 2

Query	661	LWSKEELKRAVAMLEKLQMSMDLSFGG	687
		LWSKEELKRAVAMLEKLQMSMDLSFGG	
Sbjct	661	LWSKEELKRAVAMLEKLQMSMDLSFGG	687